

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets



(11)

EP 1 103 613 A1

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
30.05.2001 Patentblatt 2001/22

(51) Int Cl.7: **C12N 15/54, C12N 9/12,
C12P 13/04, C12P 13/08**

(21) Anmeldenummer: **00125528.0**

(22) Anmeldetag: **22.11.2000**

(84) Benannte Vertragsstaaten:
**AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU
MC NL PT SE TR**
Benannte Erstreckungsstaaten:
AL LT LV MK RO SI

(71) Anmelder: **Degussa AG**
40474 Düsseldorf (DE)

(72) Erfinder:
• **Möckel, Bettina, Dr.**
40597 Düsseldorf (DE)
• **Pfefferle, Walter, Dr.**
33790 Halle (Westf.) (DE)

(30) Priorität: **23.11.1999 DE 19956131**

(54) Für das pfk-Gen codierende Nukleotidsequenzen

(57) Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No.2,

c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verstärkung des pfk-Gens und die Verwendung als Primer oder Hybridisierungssonde.

EP 1 103 613 A1

Beschreibung

[0001] Gegenstand der Erfindung sind für das pfk-Gen kodierende Nukleotidsequenzen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen das pfk-Gen verstärkt wird.

Stand der Technik

[0002] Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, insbesondere aber in der Tierernährung Anwendung.

[0003] Es ist bekannt, daß Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum* hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellungsverfahren gearbeitet. Verfahrensbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie z. B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z. B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch z. B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

[0004] Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z. B. das Lysin-Analogon S-(2-Aminoethyl)-Cystein oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und L-Aminosäuren wie z. B. L-Lysin produzieren.

[0005] Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung Aminosäure produzierender Stämme von *Corynebacterium* eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht. Übersichtsartikel hierzu findet man unter anderem bei Kinoshita ("Glutamic Acid Bacteria", in: *Biology of Industrial Microorganisms*, Demain and Solomon (Eds.), Benjamin Cummings, London, UK, 1985, 115-142), Hilliger (*BioTec* 2, 40-44 (1991)), Eggeling (*Amino Acids* 6: 261-272 (1994)), Jetten und Sinskey (*Critical Reviews in Biotechnology* 15, 73-103 (1995)) und Sahm et al. (*Annals of the New York Academy of Science* 782, 25-39 (1996)).

Aufgabe der Erfindung

[0006] Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

[0007] Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin, in der pharmazeutischen Industrie und insbesondere in der Tierernährung Anwendung. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran, neue verbesserte Verfahren zur Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

[0008] Wenn im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt werden, sind damit nicht nur die Base sondern auch die Salze wie z. B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

[0009] Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No.2,

c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c).

[0010] Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei es sich bevorzugt um eine replizierbare DNA handelt, enthaltend:

(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No.1, oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder

(iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls

(iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind

[0011]

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 4, enthaltend die Nukleotidsequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt,

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 6, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält

ein Vektor, enthaltend das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, insbesondere Pendelvektor oder Plasmidvektor

und als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die den Vektor enthalten.

[0012] Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank, die das vollständige Gen mit der Polynukleotidsequenz entsprechend SEQ ID No. 1 enthält, mit einer Sonde, die die Sequenz des genannten Polynukleotids gemäß SEQ ID No. 1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten DNA-Sequenz.

[0013] Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind geeignet als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA, um cDNA in voller Länge zu isolieren, die für Phosphofructokinase codieren und solche cDNA oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des Phosphofructokinase-Gens aufweisen.

[0014] Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind weiterhin geeignet als Primer zur Herstellung von DNA von Genen, die für Phosphofructokinase codieren, durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR).

[0015] Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.

[0016] "Isoliert" bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

[0017] "Polynukleotid" bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

[0018] Unter "Polypeptiden" versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

[0019] Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen ein Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität der Phosphofructokinase und auch solche ein, die zu wenigstens 70 % identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders die zu wenigstens 90 % bis 95 % Identität mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

[0020] Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits eine Aminosäure produzieren, und in denen die für das pfk-Gen codierenden Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

[0021] Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

[0022] Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung Corynebacterium handeln. Bei der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

[0023] Geeignete Stämme der Gattung Corynebacterium, insbesondere der Art Corynebacterium glutamicum, sind die zum Beispiel bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
 Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806
 Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
 Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
 5 Corynebacterium melassecola ATCC17965
 Brevibacterium flavum ATCC14067
 Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
 Brevibacterium divaricatum ATCC14020

10 und daraus hergestellte L-Lysin produzierende Mutanten bzw. Stämme, wie beispielsweise

Corynebacterium glutamicum FERM-P 1709
 Brevibacterium flavum FERM-P 1708
 Brevibacterium lactofermentum FERM-P 1712
 15 Corynebacterium glutamicum FERM-P 6463
 Corynebacterium glutamicum FERM-P 6464 und
 Corynebacterium glutamicum DSM5715.

[0024] Den Erfindern gelang es, das neue, für das Enzym Phosphofructokinase kodierende pfk-Gen von C. glutamicum zu isolieren.

[0025] Zur Isolierung des pfk-Gens oder auch anderer Gene von C. glutamicum wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in E. coli angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von C. glutamicum ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im E. coli K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16: 1563-1575) angelegt wurde. Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326(1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von C. glutamicum ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pHC79 (Hohn und Collins, Gene 11, 291-298 (1980)). Zur Herstellung einer Genbank von C. glutamicum in E. coli können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche E. coli-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5amcr, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74:5463-5467, 1977) beschrieben ist.

[0026] Auf diese Weise wurde die neue für das Gen pfk kodierende DNA-Sequenz von C. glutamicum erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des pfk-Genproduktes dargestellt.

[0027] Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID NO. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID NO. 1 oder Teilen von SEQ ID NO. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z. B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als "Sinnmutationen" (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d. h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID NO. 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

[0028] In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID NO. 1 oder Teilen von SEQ ID NO. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID NO. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

[0029] Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

[0030] Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Überexpression des pfk-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren insbesondere L-Lysin produzieren.

[0031] Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Lysin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

[0032] Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift EPS 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15 - 24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60:512-538 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

[0033] Beispielhaft wurde das erfindungsgemäße pfk-Gen mit Hilfe von Plasmiden überexprimiert.

[0034] Als Plasmide eignen sich solche, die in coryneformen Bakterien repliziert werden. Zahlreiche bekannte Plasmidvektoren wie z. B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554), pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991)) oder pHS2-1 (Sonnen et al., Gene 107:69-74 (1991)) beruhen auf den kryptischen Plasmiden pHM1519, pBL1 oder pGA1. Andere Plasmidvektoren wie z. B. solche, die auf pCG4 (US-A 4,489,160) oder pNG2 (Serwold-Davis et al., FEMS Microbiology Letters 66, 119-124 (1990)) oder pAG1 (US-A 5,158,891) beruhen, können in gleicher Weise verwendet werden.

[0035] Weiterhin eignen sich solche Plasmidvektoren mit Hilfe derer man das Verfahren der Genamplifikation durch Integration in das Chromosom anwenden kann, so wie es beispielsweise von Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)) zur Duplikation bzw. Amplifikation des hom-thrB-Operons beschrieben wurde. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise E. coli), nicht aber in C. glutamicum replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of Biological Chemistry 269:32678-84; US-A 5,487,993), pCR®Blunt (Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al., Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) oder pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology 173:4510-4516) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird anschließend durch Konjugation oder Transformation in den gewünschten Stamm von C. glutamicum überführt. Die Methode der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross over"-Ereignisses enthält der resultierende Stamm mindestens zwei Kopien des betreffenden Gens.

[0036] Zusätzlich kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben dem pfk-Gen eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports zu verstärken oder zu überexprimieren.

[0037] So kann beispielsweise für die Herstellung von L-Lysin gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen (EP-B 0 197 335), oder
- das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende gap-Gen (Eikmanns (1992), Journal of Bacte-

riology 174:6076-6086), oder

- das für die Triosephosphat Isomerase codierende tpi-Gen(Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086), oder

- das für die 3-Phosphoglycerat Kinase codierende pgk-Gen(Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086), oder

- das für die Pyruvat Carboxylase codierende pyc-Gen(Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086), oder

- das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen (DE-A-195 48 222)

überexprimiert werden.

[0038] Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben dem pfk-Gen gleichzeitig

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase codierende pck-Gen (DE 199 50 409.1, DSM 13047) und/oder

- das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase codierende pgi-Gen (US 09/396,478, DSM 12969)

abzuschwächen.

[0039] Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben der Überexpression des pfk-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

[0040] Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

[0041] Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z. B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z. B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

[0042] Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z. B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe wie z. B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten werden Sauerstoff oder Sauerstoffhaltige Gasmischungen wie z. B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum an Lysin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

[0043] Die Analyse von L-Lysin kann durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin Deri-

vatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben.

[0044] Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin.

5 Beispiele

[0045] Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Beispiel 1

Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032

[0046] Chromosomale DNA aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al. (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250) dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCosI (Wahl et al. (1987) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCosI Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert. Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt. Zur Infektion des *E. coli* Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Research 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des *pfk*-Gens

[0047] Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany). Die DNA des Sequenziervektors pZero-1 bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschließend in den *E. coli* Stamm DH5αMCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 µg/ml Zeocin ausplattiert. Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden, Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

[0048] Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt. Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25:3389-3402), gegen die non-redundant Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

[0049] Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 990 Basenpaaren, welches als pfk-Gen bezeichnet wurde. Das pfk-Gen kodiert für ein Protein von 330 Aminosäuren.

Beispiel 3

Herstellung des Expressionsvektors pZ-pfkex zur Verstärkung des pfk-Gens in *Corynebacterium glutamicum*

3.1. Klonierung des pfk-Gens

[0050] Aus dem Stamm ATCC 13032 wurde nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817-1828 (1994)) chromosomale DNA isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für *C. glutamicum* bekannten Sequenz des pfk-Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase Kettenreaktion ausgewählt:

pfk-ex:

5' GAT CTA GAA TTC AAC TTT CAG GTG GTA ACC C 3'

pfk-glp2:

5' GAT CTA GTC GAC CGG ACA AGC GAG GAA TTA T 3'

[0051] Die dargestellten Primer wurden von der Firma ARK Scientific GmbH Biosystems (Darmstadt, Deutschland) synthetisiert. Der Primer pfk-ex enthält die Sequenz für die Schnittstelle der Restriktionsendonuklease EcoRI und der Primer pfk-glp2 die Schnittstelle der Restriktionsendonuklease Sall, die in der oben dargestellten Nukleotidabfolge durch Unterstreichen markiert sind. Die PCR-Reaktion wurde nach der Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR protocols. A Guide to Methods and Applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Roche Diagnostics GmbH (Mannheim, Deutschland) durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion ermöglichen die Primer die Amplifikation eines ca. 1,05 kb großen DNA-Fragmentes, welches das pfk-Gen aus *Corynebacterium glutamicum* trägt. Das so amplifizierte Produkt wurde in einem 0,8%igen Agarosegel elektrophoretisch geprüft.

[0052] Das auf diese Weise gewonnene PCR Fragment wurde mit den Restriktionsenzymen EcoRI und Sall vollständig gespalten. Das ca. 1,05 kb große pfk-Fragment wurde aus dem Agarosegel mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany) isoliert.

3.2. Klonierung von pfk in den Vektor pZ8-1

[0053] Als Basisvektor zur Expression sowohl in *C. glutamicum* als auch in *E. coli* wurde der *E. coli* - *C. glutamicum* - Shuttle - Expressionsvektor pZ8-1 (EP 0 375 889) eingesetzt. DNA dieses Plasmids wurde mit den Restriktionsenzymen EcoRI und Sall vollständig gespalten und anschließend mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Das in Beispiel 3.1 aus dem Agarosegel isolierte pfk-Fragment wurde mit dem so vorbereiteten Vektor pZ8-1 gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-0870-04) behandelt.

[0054] Der Ligationsansatz wurde in den *E. coli* Stamm DH5 α mcr (Hanahan, In: DNA Cloning. A Practical Approach, Vol. I, IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA) transformiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 mg/l Kanamycin. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert. Plasmid DNA wurde aus einer Transformante mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und durch Restriktionsspaltung überprüft. Das erhaltene Plasmid wurde pZ-pfkex genannt. Es ist in Figur 1 dargestellt.

Beispiel 4

Transformation des Stammes DSM5715 mit dem Plasmid pZ-pfkex

[0055] Der Stamm DSM5715 (EP 0 435 132) wurde mit dem Plasmid pZ-pfkex unter Anwendung der von Liebl et al., (FEMS Microbiology Letters, 53:299-303 (1989)) beschriebenen Elektroporationsmethode transformiert. Die Selektion der Transformanten erfolgte auf LBHIS Agar bestehend aus 18,5 g/l Brain-Heart Infusion Boullion, 0,5 M Sorbitol, 5 g/l Bacto-Trypton, 2,5 g/l Bacto-Yeast-Extract, 5 g/l NaCl und 18 g/l Bacto-Agar, der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Die Inkubation erfolgte für 2 Tage bei 33°C. Plasmid DNA wurde aus einer Transformante nach den üblichen Methoden isoliert (Peters-Wendisch et al., 1998, Microbiology, 144, 915 - 927), mit den Restriktionsendonukleasen EcoRI und Sall geschnitten und das Plasmid durch anschließende Agarosegel-Elektrophorese überprüft. Der erhaltene Stamm wurde DSM5715/pZ-pfkex genannt.

Beispiel 5

Herstellung von Lysin

[0056] Der in Beispiel 4 erhaltene C. glutamicum Stamm DSM5715/pZ-pfkex wurde in einem zur Produktion von Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt im Kulturüberstand bestimmt.

[0057] Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz-Agar mit Tetracyclin (5 mg/l)) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium Cg III verwendet.

Medium Cg III	
NaCl	2,5 g/l
Bacto-Pepton	10 g/l
Bacto-Yeast-Extrakt	10 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	2% (w/v)

Der pH-Wert wurde auf pH 7.4 eingestellt

[0058] Diesem wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur wurde 16 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler inkubiert. Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur angeimpft, so daß die Anfangs-OD (660nm) der Hauptkultur 0,05 betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM verwendet.

Medium MM	
CSL (Corn Steep Liquor)	5 g/l
MOPS (Morpholinopropansulfonsäure)	20 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	50 g/l
(NH ₄) ₂ SO ₄	25 g/l
KH ₂ PO ₄	0,1 g/l
MgSO ₄ * 7 H ₂ O	1,0 g/l
CaCl ₂ * 2 H ₂ O	10 mg/l
FeSO ₄ * 7 H ₂ O	10 mg/l
MnSO ₄ * H ₂ O	5,0mg/l
Biotin (sterilfiltriert)	0,3 mg/l
Thiamin * HCl (sterilfiltriert)	0,2 mg/l
L-Leucin (sterilfiltriert)	0,1 g/l
CaCO ₃	25 g/l

[0059] CSL, MOPS und die Salzlösung wurden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschließend wurden die sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt, sowie das trocken autoklavierte CaCO₃.

[0060] Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 80% Luftfeuchtigkeit.

[0061] Nach 72 Stunden wurde die OD bei einer Meßwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann

Instruments GmbH, München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

[0062] In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD(660)	Lysin-HCl g/l
DSM5715	7,9	13,0
DSM5715/pZ-pfkex	9,9	13,4

Abbildungen:

Folgende Abbildung beigelegt:

■ Abbildung 1: Plasmid pZ-pfkex

[0063] Die in der Abbildung verwendeten Abkürzungen haben folgende Bedeutung:

Kan: Resistenzgen für Kanamycin

Ptac: tac-Promotor

pfk: pfk-Gen von *C. glutamicum*

rrnB-T1T2: Terminator T1T2 des rrnB-Gens von *E. coli*

rep: Plasmidkodierter Replikationsursprung für *C. glutamicum* (von pHM1519)

EcoRI: Schnittstelle des Restriktionsenzym *EcoRI*

Sall: Schnittstelle des Restriktionsenzym *Sall*

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa-Hüls AG

<120> Neue für das pfk-Gen codierende Nukleotidsequenzen

<130> 990179 BT

<140>

<141>

<160> 2

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1120

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (68)..(1057)

<400> 1

```

ttgttaccga tgaccacacg ctagattttc cagttttgcc cgaccacaac tttcaggtgg 60
taacccc atg atc atc aca ttc acc cca aac ccg agt att gat tcc acg 109
      Met Ile Ile Thr Phe Thr Pro Asn Pro Ser Ile Asp Ser Thr
        1              5              10
ctg tcg ctc ggc gaa gag ctc tcc cgt gga tcc gtc caa cga ctt gat 157
Leu Ser Leu Gly Glu Glu Leu Ser Arg Gly Ser Val Gln Arg Leu Asp
  15              20              25              30
tcc gtc acc gct gtc gca ggt ggt aaa ggc atc aat gtc gcc cac gct 205
Ser Val Thr Ala Val Ala Gly Gly Lys Gly Ile Asn Val Ala His Ala
              35              40              45
gtc ttg ctt gcg ggc ttt gaa acc ttg gct gtg ttc cca gcc ggc aag 253
Val Leu Leu Ala Gly Phe Glu Thr Leu Ala Val Phe Pro Ala Gly Lys
  40              50              55              60
ctc gac ccc ttc gtc cca ctg gtc cgc gac atc ggc ttg ccc gtg gaa 301
Leu Asp Pro Phe Val Pro Leu Val Arg Asp Ile Gly Leu Pro Val Glu
              65              70              75
act gtt gtg atc aac aag aac gtc cgc acc aac acc aca gtc acc gaa 349
Thr Val Val Ile Asn Lys Asn Val Arg Thr Asn Thr Thr Val Thr Glu
      80              85              90
ccg gac ggc acc acc acc aag ctc aac ggc ccc ggc gcg ccg ctc agc 397
Pro Asp Gly Thr Thr Thr Lys Leu Asn Gly Pro Gly Ala Pro Leu Ser
  95              100              105              110
gag cag aag ctc cgt agc ttg gaa aag gtg ctt atc gac gcg ctc cgc 445
Glu Gln Lys Leu Arg Ser Leu Glu Lys Val Leu Ile Asp Ala Leu Arg
  115              120              125

```

EP 1 103 613 A1

	ccc gaa gtc acc tgg gtt gtc ctg gcg ggc tcg ctg cca cca ggg gca	493
	Pro Glu Val Thr Trp Val Val Leu Ala Gly Ser Leu Pro Pro Gly Ala	
	130 135 140	
5	cca gtt gac tgg tac gcg cgt ctc acc gcg ttg atc cat tca gca cgc	541
	Pro Val Asp Trp Tyr Ala Arg Leu Thr Ala Leu Ile His Ser Ala Arg	
	145 150 155	
10	cct gac gtt cgc gtg gct gtc gat acc tca gac aag cca ctg atg gcg	589
	Pro Asp Val Arg Val Ala Val Asp Thr Ser Asp Lys Pro Leu Met Ala	
	160 165 170	
15	ttg ggc gag agc ttg gat aca cct ggc gct gct ccg aac ctg att aag	637
	Leu Gly Glu Ser Leu Asp Thr Pro Gly Ala Ala Pro Asn Leu Ile Lys	
	175 180 185 190	
20	cca aat ggt ctg gaa ctg ggc cag ctg gct aac act gat ggt gaa gag	685
	Pro Asn Gly Leu Glu Leu Gly Gln Leu Ala Asn Thr Asp Gly Glu Glu	
	195 200 205	
25	ctg gag gcg cgt gct gcg caa ggc gat tac gac gcc atc atc gca gct	733
	Leu Glu Ala Arg Ala Ala Gln Gly Asp Tyr Asp Ala Ile Ile Ala Ala	
	210 215 220	
30	gcg gac gta ctg gtt aac cgt ggc atc gaa cag gtg ctt gtc acc ttg	781
	Ala Asp Val Leu Val Asn Arg Gly Ile Glu Gln Val Leu Val Thr Leu	
	225 230 235	
35	ggt gcc gca gga gcg gtg ttg gtc aac gca gaa ggt gcg tgg act gct	829
	Gly Ala Ala Gly Ala Val Leu Val Asn Ala Glu Gly Ala Trp Thr Ala	
	240 245 250	
40	act tct cca aag att gat gtt gta tcc acc gtt gga gct gga gac tgt	877
	Thr Ser Pro Lys Ile Asp Val Val Ser Thr Val Gly Ala Gly Asp Cys	
	255 260 265 270	
45	gct ctt gca ggt ttt gtt atg gca cgt tcc cag aag aaa aca ctg gag	925
	Ala Leu Ala Gly Phe Val Met Ala Arg Ser Gln Lys Lys Thr Leu Glu	
	275 280 285	
50	gaa tct ctg ctg aat gcc gtg tct tac ggc tcg act gcg gcg tct ctt	973
	Glu Ser Leu Leu Asn Ala Val Ser Tyr Gly Ser Thr Ala Ala Ser Leu	
	290 295 300	
55	cct ggc act acc att cct cgt cct gac caa ctc gcc aca gct ggt gca	1021
	Pro Gly Thr Thr Ile Pro Arg Pro Asp Gln Leu Ala Thr Ala Gly Ala	
	305 310 315	
60	acg gtc acc caa gtc aaa gga ttg aaa gaa tca gca tgaatagcgt	1067
	Thr Val Thr Gln Val Lys Gly Leu Lys Glu Ser Ala	
	320 325 330	
65	aaataattcc tcgcttgctc ggctggatgt cgatttcggc gactccacca cgg	1120
70	<210> 2	
75	<211> 330	
80	<212> PRT	
85	<213> Corynebacterium glutamicum	

EP 1 103 613 A1

<400> 2
 5 Met Ile Ile Thr Phe Thr Pro Asn Pro Ser Ile Asp Ser Thr Leu Ser
 1 5 10
 Leu Gly Glu Glu Leu Ser Arg Gly Ser Val Gln Arg Leu Asp Ser Val
 20 25 30
 10 Thr Ala Val Ala Gly Gly Lys Gly Ile Asn Val Ala His Ala Val Leu
 35 40 45
 Leu Ala Gly Phe Glu Thr Leu Ala Val Phe Pro Ala Gly Lys Leu Asp
 50 55 60
 15 Pro Phe Val Pro Leu Val Arg Asp Ile Gly Leu Pro Val Glu Thr Val
 65 70 75 80
 Val Ile Asn Lys Asn Val Arg Thr Asn Thr Thr Val Thr Glu Pro Asp
 85 90 95
 20 Gly Thr Thr Thr Lys Leu Asn Gly Pro Gly Ala Pro Leu Ser Glu Gln
 100 105 110
 Lys Leu Arg Ser Leu Glu Lys Val Leu Ile Asp Ala Leu Arg Pro Glu
 115 120 125
 25 Val Thr Trp Val Val Leu Ala Gly Ser Leu Pro Pro Gly Ala Pro Val
 130 135 140
 Asp Trp Tyr Ala Arg Leu Thr Ala Leu Ile His Ser Ala Arg Pro Asp
 145 150 155 160
 Val Arg Val Ala Val Asp Thr Ser Asp Lys Pro Leu Met Ala Leu Gly
 165 170 175
 35 Glu Ser Leu Asp Thr Pro Gly Ala Ala Pro Asn Leu Ile Lys Pro Asn
 180 185 190
 Gly Leu Glu Leu Gly Gln Leu Ala Asn Thr Asp Gly Glu Glu Leu Glu
 195 200 205
 40 Ala Arg Ala Ala Gln Gly Asp Tyr Asp Ala Ile Ile Ala Ala Ala Asp
 210 215 220
 Val Leu Val Asn Arg Gly Ile Glu Gln Val Leu Val Thr Leu Gly Ala
 225 230 235 240
 45 Ala Gly Ala Val Leu Val Asn Ala Glu Gly Ala Trp Thr Ala Thr Ser
 245 250 255
 Pro Lys Ile Asp Val Val Ser Thr Val Gly Ala Gly Asp Cys Ala Leu
 260 265 270
 50 Ala Gly Phe Val Met Ala Arg Ser Gln Lys Lys Thr Leu Glu Glu Ser
 275 280 285
 Leu Leu Asn Ala Val Ser Tyr Gly Ser Thr Ala Ala Ser Leu Pro Gly
 290 295 300

Thr Thr Ile Pro Arg Pro Asp Gln Leu Ala Thr Ala Gly Ala Thr Val
305 310 315 320

Thr Gln Val Lys Gly Leu Lys Glu Ser Ala
325 330

Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No.2,

c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

e) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c).

2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.

3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.

4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.

5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, enthaltend

(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder

(iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls

(iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

6. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 2, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz in SEQ ID No. 2 darstellt, enthält.

7. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, dadurch gekennzeichnet, daß man folgende Schritte durchführt:

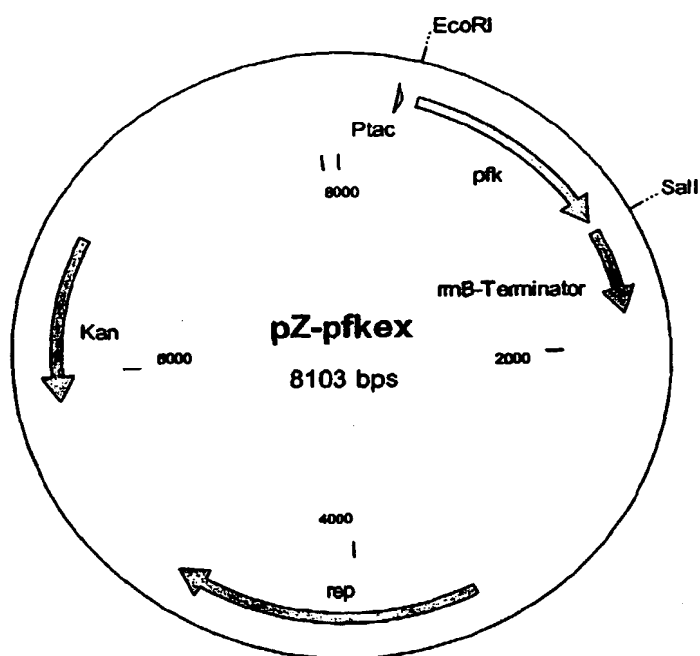
a) Fermentation der die L-Aminosäure produzierenden coryneformen Bakterien, in denen man zumindest das pfk-Gen oder dafür codierende Nukleotidsequenzen verstärkt, insbesondere überexprimiert.

b) Anreicherung von der L-Aminosäure im Medium oder in den Zellen der Bakterien und

c) Isolieren von der L-Aminosäure.

8. Verfahren gemäß Anspruch 7,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.
9. Verfahren gemäß Anspruch 7,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Bakterien einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung des L-Lysins verringern.
10. Verfahren gemäß Anspruch 7,
dadurch gekennzeichnet,
daß man einen mit einem Plasmidvektor transformierten Stamm einsetzt, und der Plasmidvektor die für das pfk-Gen codierende Nukleotidsequenz trägt.
11. Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 7 bis 10,
dadurch gekennzeichnet,
daß man coryneforme Bakterien verwendet, die L-Lysin herstellen.
12. Verfahren gemäß Anspruch 6,
dadurch gekennzeichnet,
daß man für die Herstellung von Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
 - 12.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen,
 - 12.2 das für die Pyruvat Carboxylase codierende pyc-Gen
 - 12.3 das für die Triosephosphat Isomerase kodierende tpi-Gen,
 - 12.4 das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende gap-Gen,
 - 12.5 das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende pgk-Gen,
 - 12.6 das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen,gleichzeitig verstärkt, insbesondere überexprimiert oder amplifiziert.
13. Verfahren gemäß Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
daß man für die Herstellung von L-Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
 - 13.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase codierende pck-Gen
 - 13.2 das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende pgi-Gen
14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Mikroorganismen der Gattung *Corynebacterium glutamicum* einsetzt.
15. Verwendung von Polynukleotidsequenzen gemäß Anspruch 1 als Primer zur Herstellung der DNA von Genen, die für die für die Phosphofructokinase codieren, durch die Polymerase-Kettenreaktion.
16. Verwendung von Polynukleotidsequenzen gemäß Anspruch 1 als Hybridisierungssonden.

Figur 1: Plasmid pZ-pfkex





Europäisches
Patentamt

EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung
EP 00 12 5528

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int.Cl.7)
X	<p>DATABASE WPI Section Ch, Week 198824 Derwent Publications Ltd., London, GB; Class B05, AN 1988-164726 XP002162778 & JP 63 102692 A (KYOWA HAKKO KOGYO KK), 7. Mai 1988 (1988-05-07) * Zusammenfassung *</p> <p>---</p>	7,10,11, 14	C12N15/54 C12N9/12 C12P13/04 C12P13/08
X,P	<p>EP 1 010 755 A (AJINOMOTO KK) 21. Juni 2000 (2000-06-21) * Seite 5, Zeile 27 - Zeile 40 *</p> <p>---</p>	7,8,10, 11,14	
E	<p>WO 01 00844 A (BASF AG) 4. Januar 2001 (2001-01-04) * SEQ ID NO 57; SEQ ID NO 58 * * Seite 7, Zeile 13 - Seite 10, Zeile 22; Ansprüche 25-33; Beispiele 1-13; Tabelle 1 *</p> <p>---</p>	1-12, 14-16	
X	<p>DATABASE EMBL [Online] accession: AF083344, 11. Dezember 1998 (1998-12-11) WELLS D R ET AL: "Triticum aestivum heat shock protein 101 kDa (HSP101) mRNA, complete cds." XP002162775</p> <p>---</p>	1-3,5	RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int.Cl.7) C12N C12P
X	<p>DATABASE EMBL [Online] accession: X53948, 2. September 1991 (1991-09-02) ORCHARD L M D ET AL: "E. coli fruK gene for 1-phosphofructokinase" XP002162776</p> <p>---</p> <p style="text-align: center;">-/-</p>	1-3,5	
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenort DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 19. März 2001	Prüfer Devijver, K
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE			
<p>X : von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A : technologischer Hintergrund O : mündliche Offenbarung P : Zwischenliteratur</p>		<p>T : der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E : älteres Patentdokument, das jedoch erst a.m. oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D : in der Anmeldung angeführtes Dokument L : aus anderen Gründen angeführtes Dokument & : Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument</p>	

EPC FORM 1503 03 82 (P04C03)



Europäisches
Patentamt

EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung
EP 00 12 5528

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int.Cl.7)
A	<p>DATABASE EMBL [Online] accession: P23539, 1. November 1991 (1991-11-01) ORCHARD L M D ET AL: "1-PHOSPHOFRUCTOKINASE (EC 2.7.1.56) (FRUCTOSE 1-PHOSPHATE KINASE)." XP002162777</p>		
A	<p>--- KIYOSHI NAKAYAMA: "Microorganisms in amino acid fermentation" 1972, SOCIETY OF FERMENTATION TECHNOLOGY , JAPAN XP002163104 * Seite 433 - Seite 438 * -----</p>	11	
			RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int.Cl.7)
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenort DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 19. März 2001	Prüfer Devijver, K
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE		<p>T : der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E : älteres Patentdokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D : in der Anmeldung angeführtes Dokument L : aus anderen Gründen angeführtes Dokument & : Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument</p>	
<p>X : von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A : technologischer Hintergrund O : mündliche Offenbarung P : Zwischenliteratur</p>			

EPO FORM 1503 03 82 (P04C03)

**ANHANG ZUM EUROPÄISCHEN RECHERCHENBERICHT
 ÜBER DIE EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG NR.**

EP 00 12 5528

In diesem Anhang sind die Mitglieder der Patentfamilien der im obengenannten europäischen Recherchenbericht angeführten Patendokumente angegeben.
 Die Angaben über die Familienmitglieder entsprechen dem Stand der Datei des Europäischen Patentamts am
 Diese Angaben dienen nur zur Unterrichtung und erfolgen ohne Gewähr.

19-03-2001

Im Recherchenbericht angeführtes Patendokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
JP 63102692 A	07-05-1988	JP 2101579 C	22-10-1996
		JP 7121227 B	25-12-1995
EP 1010755 A	21-06-2000	CN 1270226 A	18-10-2000
		JP 2000232890 A	29-08-2000
WO 0100844 A	04-01-2001	WO 0100843 A	04-01-2001
		WO 0100804 A	04-01-2001
		WO 0100805 A	04-01-2001
		WO 0100842 A	04-01-2001
		WO 0102583 A	11-01-2001

EPO FORM P0461

Für nähere Einzelheiten zu diesem Anhang : siehe Amtsblatt des Europäischen Patentamts, Nr.12/82

